
Sektion 49

Resistenzzüchtung/Widerstandsfähigkeit gegen Schadorganismen II

49-1 - Überwachung von Rostpopulationen als Voraussetzung für die Bewertung der Resistenz von Getreidesorten

Monitoring of rust populations as prerequisite for evaluating the resistance of cereal cultivars

Kerstin Flath, Nicole Sommerfeldt-Impe, Anne-Kristin Schmitt

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

Rostkrankheiten gehören weltweit zu den wichtigsten Getreidepathogenen und können erhebliche Ertragsausfälle verursachen. Für viele der bekannten Resistenzgene gibt es bereits Virulenzen in den Rostpopulationen, d.h. sie sind nicht mehr oder nur noch eingeschränkt wirksam. Um die Wirksamkeit der Sortenresistenzen einschätzen zu können, werden die in Deutschland vorkommenden Rassen und Virulenzen bedeutender Getreideroste mit speziellen Differenzialsortimenten untersucht.

Langjährige Studien des JKI zeigen, dass sich z. B. der Anteil der in der deutschen Gelbrost-Population vorkommenden Rassen von einem Jahr zum anderen schlagartig ändern kann. Ein Beispiel hierfür ist die sogenannte Warrior-Rasse, die in der Lage ist 11 von 14 getesteten Resistenzgenen zu befallen. Sie wurde 2010 erstmals in Deutschland nachgewiesen, kam nur zwei Jahre später zu etwa einem Drittel in der Gelbrostpopulation vor und ist derzeit zu 90% vertreten. Durch das Auftreten der Warrior-Rasse hat sich die Anfälligkeit wichtiger Weizensorten 2014 deutlich geändert. Während resistente Sorten wie Julius, Elixer und Opal ihre gute Einstufung beibehielten, reagierten viele andere Sorten, w. z. B. Dekan, Diskus und Inspiration deutlich anfälliger.

Dies verdeutlicht, wie gefährlich es ist, wenn Sortenresistenz nur auf wenigen Resistenzgenen beruht. Anders verhält es sich mit Sorten, die über sogenannte Adultpflanzenresistenzen verfügen. Diese, meistens durch mehrere Gene bedingte Resistenz, erwies sich in der Vergangenheit oftmals als sehr dauerhaft.

Durch umfangreiche Virulenzanalysen kann schon frühzeitig festgestellt werden, welche Resistenzen noch bzw. nicht mehr wirken. Deshalb kommt es darauf an, das Monitoring der Roststrassen fortzuführen und verschiedene Resistenztypen so zu kombinieren, dass ein möglichst langfristiger Schutz der Sorten möglich wird.

49-2 - Entwicklung einer Vorselektionsmethode zur Ermittlung der Anfälligkeit von Weizensorten gegenüber *Mycosphaerella graminicola* (anamorph: *Septoria tritici*)

*Development of a preliminary selection method for determining the susceptibility of wheat varieties to *Mycosphaerella graminicola* (anamorphic: *Septoria tritici*)*

Bernd Rodemann

Julius Kühn-Institut, Institut für Pflanzenschutz in Ackerbau und Grünland

In einem BMBF-VALID-Verbundprojekt wird die Populationsstruktur moderner deutscher und europäischer Weizensorten hinsichtlich Krankheitsresistenz, Ertrag und Ertragskomponenten evaluiert. Die Zielsetzung des Projektes ist die Identifizierung von Assoziationen zwischen Daten molekularer Markeranalysen und og. Parameter als Basis für die Entwicklung neuer leistungsfähiger

ger mit Resistenzgenen ausgestatteter Weizensorten. Im JKI-Teilprojekt wird unter anderem die Resistenz von 160 Weizen genotypen gegenüber den Schaderregern *Septoria tritici* mit Hilfe künstlicher Inokulationen im Freiland und Gewächshaus untersucht. Für eine frühzeitige Vorselektion galt es eine Gewächshausprüfmethode zur Erfassung der Anfälligkeit der Testgenotypen gegenüber *Septoria tritici* zu entwickeln.

In den Gewächshausstudien wurden die Testgenotypen im Stadium BBCH 12 des Weizens mit einer Konidiensuspension von *Septoria tritici* – Isolat inokuliert. Anschließend wurden diese für 48 Stunden bei 100% rel. Luftfeuchte und 15°C in einem Folientunnel inkubiert. Die folgende Versuchsdurchführung erfolgte bei 18-19 °C und 70% rel. Luftfeuchte verbunden mit intervallartiger Sprühnebel-Befeuchtung. Die visuelle Befallsbonitur erfolgte erstmals nach 21 dpi über einen Zeitraum von 14 Tagen. Dazu wurde die Befallshäufigkeit (incidence) und die Befallsstärke (severity) erfasst.

Die Testgenotypen wiesen nach 24 dpi eine Befallshäufigkeit von 23-98% bei einer Blattschädigung zwischen 0,1% und 25% auf. Zu Versuchsende (35-38 dpi) hatte sich die Anzahl der befallenen Pflanzen auf 40-100% erhöht und die Nekrosenfläche auf den Blättern auf 1,3-100% ausgeweitet. Die Sorten mit ausgeprägter Resistenz zeigten punktuell einzelne Infektionsstellen von denen keine Befallsausbreitung erfolgte, während bei den anfälligen Genotypen bereits nach 24 dpi eine flächige Symptombreite mit Bildung von ersten Pyknidien zu beobachten war.

Zu den Sorten mit ausgeprägter Resistenz gehören die international zugelassenen Sorten Azzerti, Athlon, Ostroga und Binacor, während die höchste Anfälligkeit bei den Sorten Panorama, Preciosa, Sumo und Federer ermittelt werden konnte. Von den in Deutschland zugelassenen Sorten können Arktis, Meister, Smaragd und Tabasco als gering bis mittel anfällig eingestuft werden.

Der Vergleich mit den Daten aus den Freilandstudien zeigte eine hohe Übereinstimmung in der Rangfolge der Sorten, so dass durch diese Vorselektionsmethode unter kontrollierten Bedingungen mit Jungpflanzen bereits wesentliche Informationen zur Sortenresistenz gewonnen werden können.

49-3 - Steigerung der Selektionsintensität für Resistenzen gegen Blattseptoria und Ährenfusariosen bei Weizen durch kombinierte Inokulation

Increasing selection intensity for resistances to Septoria tritici blotch and Fusarium head blight in wheat by combined inoculation

Thomas Miedaner, Erhard Ebmeyer

Universität Hohenheim, Landessaatzuchtanstalt, Fruwirthstr. 21, 70599 Stuttgart, Deutschland
KWS Getreide, Ferdinand-von-Lochow-Str. 5, 29303 Bergen, Deutschland

Resistenzen gegen Blattseptoria, verursacht durch *Zymoseptoria tritici*, und Ährenfusariosen, verursacht durch *Fusarium graminearum* und andere *Fusarium*-Arten, sind wichtige Zuchtziele bei Weizen. Beide Resistenzen werden quantitativ vererbt, d.h. durch eine Vielzahl von Genen mit jeweils geringer Einzelwirkung; bei *Z. septoria* gibt es zusätzlich isolatspezifische Resistenzen. Aufgrund der hohen genetischen Flexibilität beider Erreger ist der Anbau resistenter Sorten die umweltschonendste und kostengünstigste Bekämpfungsmaßnahme für den Landwirt.

Faktorielle Inokulationsexperimente mit Weizensorten unterschiedlicher Anfälligkeit im Feld ergaben, dass beide Resistenzen unabhängig voneinander vererbt werden, so dass im Zuchtbetrieb auch Beides selektiert werden muss. Wenn in einer Parzelle nur *Z. tritici* inokuliert wird, ergibt sich dieselbe Rangfolge der Resistenz der Weizensorten, wie wenn *Z. tritici* auf das Fahnenblatt und *F. culmorum* auf die Ähre derselben Parzelle inokuliert wird. Dasselbe gilt umgekehrt auch für *F. culmorum*-Inokulationen, die Korrelationen betragen jeweils $r > 0.9$. Dies gilt selbst dann, wenn eine Sorte hochanfällig gegen Blattseptoria, aber resistent gegen Ährenfusariosen ist. Wenn beide Krankheitsresistenzen durch kombinierte Inokulation von *Z. tritici* und *F. culmorum* zum jeweils

optimalen Entwicklungsstadium (voll entrolltes Fahnenblatt bzw. Mitte Blüte) auf derselben Parzelle geprüft werden, können im Zuchtbetrieb beim gleichen Budget doppelte so große Nachkommenschaften selektiert werden wie bei faktorieller Inokulation beider Erreger auf getrennten Parzellen. Dadurch erhöht sich der Selektionsgewinn und ein schnellerer Zuchtfortschritt für beide Krankheitsresistenzen wird möglich.

Literatur

MIEDANER, T., B. LIEBERHERR, S. KOCH, M. SCHOLZ, E. EBMAYER, 2014: Combined inoculation of wheat pathogens *Zymoseptoria tritici* and *Fusarium culmorum* as a tool for increasing selection intensity in resistance breeding. Plant Breeding (Early view), DOI: 10.1111/pbr.12191.

MIEDANER, T., Y. ZHAO, M. GOWDA, C.F.H. LONGIN, V. KORZUN, E. EBMAYER, E. KAZMAN, J.C. REIF. 2013: Genetic architecture of resistance to *Septoria tritici* blotch in European wheat. BMC Genomics **14**, 858.

MIEDANER, T., T. WÜRSCHUM, H.P. MAURER, V. KORZUN, E. EBMAYER, J.C. REIF. 2011: Association mapping for *Fusarium* head blight resistance in European soft winter wheat. Mol. Breed. **28**, 647-655.

49-4 - Untersuchungen zur Ausbreitungsresistenz verschiedener Weizengenotypen gegenüber Ähreninfektion mit *Magnaporthe grisea* und *Fusarium culmorum*

Spreading resistance in different wheat genotypes against ear infections with Magnaporthe grisea and Fusarium culmorum

Mark Winter, Marc Meyer, Birger Koopmann, Andreas von Tiedemann

Georg-August-Universität Göttingen, Abteilung für Allgemeine Pflanzenpathologie und Pflanzenschutz, Department für Nutzpflanzenwissenschaften, Grisebachstr. 6, 37077 Göttingen, Deutschland

Die Partielle Taubährigkeit, hervorgerufen durch *Fusarium* spp., gehört mittlerweile zu den wichtigsten Krankheiten im Weizen. Die Infektionswege und Resistenzmechanismen in der Ähre sind weitgehend bekannt. Anfälliges Stadium ist die Blüte des Weizens, die meist bei den mittleren Ährchen einer Ähre beginnt. Hier findet die initiale Infektion statt. Nachdem die Blütenanlage besiedelt ist, wächst der Erreger bis in die Leitbahnen der Ährenspindel. Dort wird der Nährstoffstrom behindert, so dass die oberen Ährchen und die sich bildenden Körner verkümmern. Es kommt zum typischen Symptombild der Partiellen Taubährigkeit. Der Pilz breitet sich basipetal in der Ähre aus und besiedelt die unteren Kornanlagen. Die werden dadurch mit warmblütertoxischen Substanzen, Mykotoxinen, belastet. Die genetisch vermittelte Resistenz gilt als eines der effektivsten Instrumente zur Kontrolle dieser Krankheit. Vor allem die Ausbreitungsresistenz des Erregers in der Ähre (Schroeder & Christiansen 1963) spielt hierbei eine besondere Rolle. Ein weiterer Verursacher von Taubährigkeit in Weizen ist der Erreger *Magnaporthe grisea*. In Südamerika konnten in den vergangenen Jahren Ertragsverluste von bis 100% im Weizen hervorgerufen durch *M. grisea* beobachtet werden, wobei kaum Informationen zur Epidemiologie, Infektion und Resistenz vorliegen. So ist nicht bekannt, ob gegenüber *M. grisea* eine ähnliche Ausbreitungsresistenz in Weizen vorhanden ist, wie sie für Ährenfusarium beschrieben wurde. Daher wurden die vier Weizengenotypen Sumai3 (resistent gegenüber *Fusarium* spp.), Milan (resistent gegenüber *M. grisea*), Tybalt (intermediär anfällig gegenüber *Fusarium* spp.) und BR18 (intermediär anfällig gegenüber *M. grisea*) zur beginnenden Blüte (BBCH 61) mit einer Sporensuspension von *F. culmorum* bzw. *M. grisea* in die beiden gegenüberliegenden mittleren Ährchen punktinokuliert. Für die Inokulation mit *M. grisea* wurden zwei verschiedene Isolate verwendet. Eines, das von Reis stammt und ein anderes, das ursprünglich von Weizen isoliert wurde. 7, 14 und 21 Tage nach der Inokulation (dpi) wurde der Anteil befallener Ährchen ermittelt und zur Abschlussbonitur wurde zusätzlich die Fläche unter der Befallsverlaufskurve (AUDPC) ermittelt. Nach Punktinokulation mit *F. culmorum* wies die Sorte Sumai3 zum letzten Boniturtermin (21 dpi) die geringste Befallshäufigkeit (25%) und den geringsten mittleren AUDPC-Wert (306) auf, wohingegen die Inokulation mit dem *M. grisea*-Isolat von Weizen zu sehr hohen Befallswerten führte. Milan zeigte

demgegenüber den geringsten Befall nach der Punktinokulation mit den beiden *M. grisea*-Isolaten, wobei sie sehr anfällig gegenüber *F. culmorum* war. Die beiden Isolate von *M. grisea* unterschieden sich signifikant in ihrer Aggressivität. Das Isolat von Weizen verursachte wesentlich stärkere Symptome an Milan (AUDPC-Wert: 357) als das von Reis (226). Die Ergebnisse lassen darauf schließen, dass es in Milan eine ähnliche Ausbreitungsresistenz gegenüber *M. grisea* geben muss, wie sie für Sumai3 durch das Major-QTL Fhb1 gegenüber *Fusarium* spp. vermittelt wird. Da die Genotypen Milan und Sumai3 resistent bzw. anfällig gegenüber den beiden Erregern *M. grisea* und *F. culmorum* waren, ist anzunehmen, dass der Resistenzmechanismus nicht gleichermaßen von beiden Erregern ausgelöst wird und auf unterschiedlichen genetischen Hintergründen beruht.

Literatur

SCHROEDER, H. W., J. J. CHRISTENSEN, 1963: Factors affecting resistance of wheat to scab caused by *Gibberella zeae*. *Phytopath* **53**, 831-838.

49-5 - Kartierung und züchterische Nutzung neuer Resistenzquellen gegen die Netzfleckenkrankheit (*Pyrenophora teres* f. *teres*) der Gerste

*Mapping and exploitation of new sources of resistance to the net form of net blotch (*Pyrenophora teres* f. *teres*) in barley*

Janine König, Doris Kopahnke², Dragan Perovic², Frank Ordon²

Julius Kühn-Institut, Institut für die Sicherheit biotechnologischer Verfahren bei Pflanzen

²Julius Kühn-Institut, Institut für Resistenzforschung und Stresstoleranz

Die Netzfleckenkrankheit ist in den vergangenen Jahren im Gerstenanbau verstärkt aufgetreten, so dass die Verbesserung der Resistenz gegen diese Krankheit heute ein wichtiges Zuchtziel in der Gerstenzüchtung darstellt (Liu et al. 2011). Ausgangspunkt hierfür ist die Identifikation von Resistenzdonoren, die Aufklärung der Genetik der Netzfleckenresistenz und basierend auf dieser Erkenntnis die Kartierung entsprechender Resistenzen im Gerstengenom sowie die Entwicklung molekularer Marker. Es konnte zunächst eine Versuchsanlage (Summer-Hill-Trials) etabliert werden, welche eine sichere Erfassung der Netzfleckenresistenz erlaubt. Basierend auf dreijährigen und zweiertigen Versuchen mit DH-Linien der Kreuzung Uschi x HHOR3073 und (Post x Viresa) x HHOR9484 zeigten sich zufriedenstellende Heritabilitäten ($h^2=0,80$ und $h^2=0,62$) und eine kontinuierliche Variation in der Reaktion auf eine Netzfleckeninfektion (König et al. 2013). Die Genotypen wurden zusätzlich im Blattsegmenttest (BST) mit mehreren differenzierenden Monokonidiallinien des Schaderregers *Pyrenophora teres* f. *teres* charakterisiert. Basierend auf genetischen Karten mit einer Länge von 705,7 cM (Uschi x HHOR3073) und 1035,8 cM (P x V) x HHOR9484 und entsprechenden phänotypischen Daten konnten in der Population Uschi x HHOR3073 vier Quantitative trait loci (QTLs) auf drei Chromosomen (2H, 3H und 5H) und für die Population (P x V) x HHOR9484 konnten vier QTL auf den Chromosomen 5H (drei) und 7H lokalisiert werden (Tab.1).

Tab. 1 Überblick über die biometrischen Parameter der QTL, welche mit Hilfe des Sommerversuchs in den zwei DH-Populationen Uschi x HHOR3073 und (PxV) x HHOR9484 identifiziert wurden

	QTL ₁	Chromo- som	Intervall (cM)	Marker	LOD	Erklärte phä- notypische Varianz (%)	Ursprung
Uschi x HHOR3073	QTL _{UH} -2H	2H	75 - 79	GBM1036	3.72	9.4	HHOR3073
	QTL _{UH} -3H	3H	45 - 51	HVM33	2.52	10.6	HHOR3073
	QTL _{UH} -5H-1	5H	64 - 68	bPb-9476	3.72	19.0	HHOR3073
	QTL _{UH} -5H-2	5H	68 - 70	bPb-6643	4.19	17.5	HHOR3073
(PxV)x	QTL _{PH} -5H-1	5H	46 - 48	bPb-3887	2.53	15.9	HHOR9484
HHOR9484	QTL _{PH} -5H-2	5H	125 - 129	bPb-3600	4.82	34.7	PxV
	QTL _{PH} -5H-3	5H	205 - 208	bPb-2006	3.59	12.6	HHOR9484
	QTL _{PH} -7H	7H	14 - 17	bPb-4064	3.61	22.6	HHOR9484

Mit den verschiedenen Isolaten wurden im Blattsegmenttest in der DH-Population Uschi x HHOR3073 jeweils zwei QTL auf unterschiedlichen Chromosomen (3H und 7H) und ein Monogen auf Chromosom 7H kartiert und in der DH-Population (P x V) x HHOR9484 ein QTL auf Chromosom 3H und zwei QTL auf den Chromosomen 4H und 5H (König et al. 2014) (Tab.2). Diese QTL sind geeignet die genetische Basis der Netzfleckenresistenz zu verbreitern.

Tab. 2 Überblick über die biometrischen Parameter der QTL, welche mit Hilfe der unterschiedlichen Monokonidiallinien im Blattsegmenttest in den zwei DH-Populationen Uschi x HHOR3073 und (PxV) x HHOR9484 identifiziert wurden

	Lin- ien	QTL ₁ / Monogen	Chro- mo- som	Intervall (cM)	Marker	LOD	Erklärte phäno- typische Varianz (%)	Ursprung
Uschi x HHOR3073	QLB	Iso_QLB	7HS	62.0	bPb8424	-	100	HHOR3073
	WvB	QTL _{UH5} -3H	3HS	29 - 31	bPb-0164	3.06	10.3	HHOR3073
		QTL _{UH5} -7H	7HS	60 - 65	GBM1464	2.54	32.2	HHOR3073
	d8_4	QTL _{UH5} -3H-1	3HS	0.6 - 6	bPb-6127	3.67	57.4	HHOR3073
		QTL _{UH5} -3H-2	3HS	34 - 38	bPb-6329	3.48	12.5	HHOR3073
(PxV) x HHOR9484	AR	QTL _{PH5} -3H	3HL	76-101	GBM1026	4.75	77.7	HHOR3073
	net	QTL _{PH5} -4H	4HL	121 - 123	GBM1388	4.99	48.8	HHOR3073
	1840	QTL _{PH5} -5H	5HS	47 - 52	bPb-9632	3.28	12.3	HHOR3073

Literatur

- Liu Z., S.R. Ellwood, R.P. Oliver, T.L. Friesen, 2011: *Pyrenophora teres*: profile of an increasingly damaging barley pathogen. Mol. Plant Pathol. 12(1), 1-19
- König J., D. Perovic, D. Kopahnke, F. Ordon, 2013: Development of an efficient method for assessing resistance to the net type of net blotch (*Pyrenophora teres* f. *teres*) in winter barley and mapping of quantitative trait loci for resistance. Mol. Breed. 32, 641-650
- König J., D. Perovic, D. Kopahnke, F. Ordon, 2014: Mapping seedling resistance to net blotch (*Pyrenophora teres* f. *teres*) in barley using detached leaf assay. Plant Breed. 133, 356-365

49-6 - Assoziationsstudie zur Prüfung von Winter- und Sommerweizensortimenten auf Anfälligkeit gegenüber Schadinsekten

Screening winter- and spring wheat lines for resistance against insect pests

Charlotte Clemenz, Marc Richter, Milan Männel, Nawal Gaafar, Robert Rethfeldt, Franz Fleischer, Ulrike Schmidt, Ulrike Lohwasser, Andreas Börner, Christa Volkmar

Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg, IPK Gatersleben

In den Jahren 2011-2013 wurden im IPK Gatersleben, im JKI Quedlinburg und bei der Firma Limagrain zwei Weizensortimente mit der Zielstellung untersucht, Resistenzen gegenüber verschiedenen Schadinsekten zu finden. Der Datenerfassung dienten Pheromonfallen, Weißschalen und Sichtbonituren im Feld sowie Ährenanalysen im Labor. Die verschiedenen methodischen Ansätze lieferten Ergebnisse die durch assoziationsgenetische Analysen mit Hilfe der Programme STRUCTURE und TASSEL bearbeitet wurden. Es konnten zahlreiche hochsignifikante Marker-Merkmal-Assoziationen auf verschiedenen Chromosomen in beiden Sortimenten für die beiden Weizengallmücken-Arten *C. tritici* und *S. mosellana*, für die Sattelmücke, Thripse (Imagines und Larven), Getreideblattläuse und Schadfliegen (*Oscinella frit*) gefunden werden. Die mehrjährigen Ergebnisse werden in Tabelle 1 zusammengefasst dargestellt. Genauere Informationen dazu finden sich in verschiedener Publikationen (FLEISCHER, 2014; FLEISCHER, ET AL., 2012; KRETSCHMAR, 2013; RICHTER, 2014; RICHTER, ET AL., 2013).

Tab. 1 Ergebnisse der Assoziationsstudien 2011-2013 an den Standorten IPK Gatersleben (GA), JKI Quedlinburg (QB), und Rosenthal (RO), Firma Limagrain (RO,OP)

SW (Sommerweizensortiment), WW (Winterweizensortiment „Boris 96“), MTA (marker-trait-association)

Objekt	Anzahl der MTA
<i>S. mosellana</i> , <i>C. tritici</i> WW, 2011,2012, GA	53 +20
<i>S. mosellana</i> , <i>C. tritici</i> SW, 2012, 2013 GA	109 +134
<i>S. mosellana</i> , <i>C. tritici</i> WW, 2012, RO	30
<i>S. mosellana</i> , <i>C. tritici</i> WW, 2012, QB	15
<i>Thysanoptera</i> , WW, 2011-2013, GA	12 +18+22
<i>Thysanoptera</i> , WW, 2012, RO	14
<i>Oscinella frit</i> , SW, 2013, GA	7
Aphiden, WW, 2013, GA, RO	11
Aphiden, SW, 2013 GA	44
<i>Haplodiplosis marginata</i> , 2012/13, WW, OP	9

Literatur

- FLEISCHER, F., (2014): Prüfung von Winterweizenentotypen auf Anfälligkeit gegenüber Weizengallmücken (zweijähriger Freilandversuch). Masterarbeit Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- FLEISCHER, F., VOLKMAR, C., LOHWASSER, U., BÖRNER A., (2012): Prüfung von Winterweizenherkünften auf Anfälligkeit gegenüber von Weizengallmücken (*Sitodiplosis mosellana* und *Contarinia tritici*). – Julius-Kühn-Archiv, **438**, 91-92.
- KRETSCHMAR, T., (2013): Prüfung von Sommerweizenherkünften auf die Anfälligkeit gegenüber Weizengallmücken. Masterarbeit Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- RICHTER, J. (2014): Prüfung eines Sommerweizensortiments auf Resistenz gegenüber Fritfliegen *Oscinella frit* (L.) und Blattläusen – Ergebnisse einer Assoziationsstudie. Masterarbeit Martin-Luther-Universität Halle-Wittenberg.
- RICHTER, M., FLEISCHER, F., MÄNNEL, M., FUCHS, F., LOHWASSER, U., BÖRNER, A., VOLKMAR, C., (2013): Untersuchung eines Weizensortimentes auf die Anfälligkeit gegenüber *Contarinia tritici* und *Sitodiplosis mosellana* sowie Getreide-Thysanopteren. Mitt. Dtsch. Ges. Allg. Angew. Ent., **19**, 1-3.